



**University of
Zurich**^{UZH}

**Zurich Open Repository and
Archive**

University of Zurich
University Library
Strickhofstrasse 39
CH-8057 Zurich
www.zora.uzh.ch

Year: 2009

**Darwin year 09 : 200 Jahre Darwin : 150 Jahre Evolutionstheorie :
Ausstellungsführer - Guide**

Reyer, Heinz-Ulrich ; Schmid-Hempel, Paul

Posted at the Zurich Open Repository and Archive, University of Zurich
ZORA URL: <https://doi.org/10.5167/uzh-72681>
Conference or Workshop Item

Originally published at:

Reyer, Heinz-Ulrich; Schmid-Hempel, Paul (2009). Darwin year 09 : 200 Jahre Darwin : 150 Jahre Evolutionstheorie : Ausstellungsführer - Guide. In: Darwin year 09, Zurich, 2009, Life Science Zurich.



Darwin
year 09

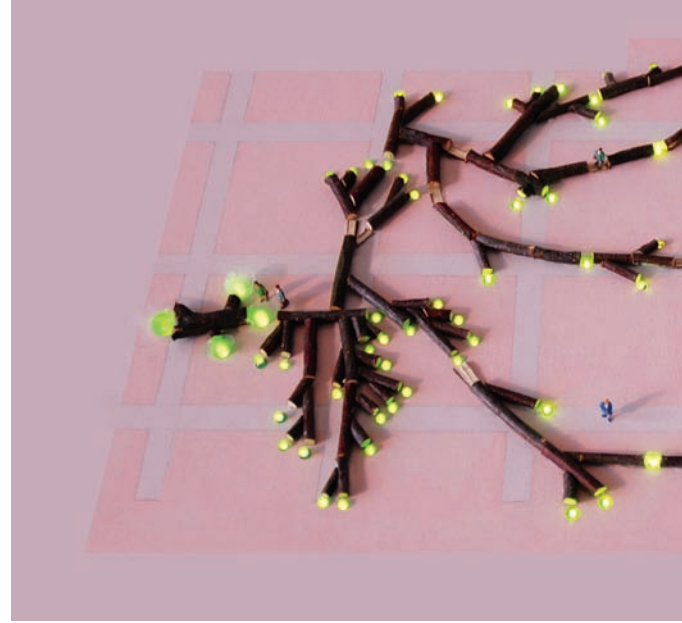


200 Jahre Darwin
150 Jahre Evolutionstheorie

Ausstellungsführer - Guide

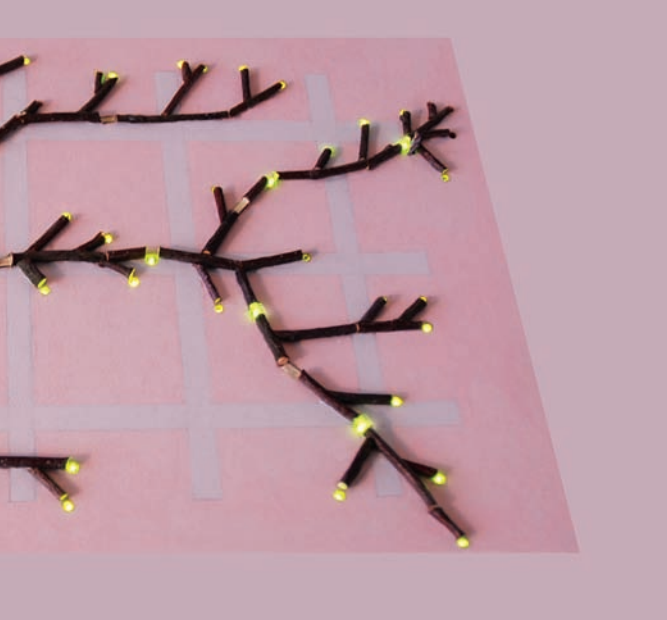
*life*science zurich

uzh | eth | zürich



Der Druck dieses „Guide der Evolution“ wurde ermöglicht durch
Printing this „Guide of Evolution“ was made possible by

the **cogito** foundation



Modell: KN, Model KN

Einleitung

Introduction

Erklärungen zum Stammbaum

Explanations regarding the Tree of Life

Texte zu den Ausstellungsboxen und Exponaten

Texts referring to the exhibits

Liebe Besucherinnen und Besucher

Willkommen beim «Baum des Lebens», einem Baum, in dem wir Menschen nur einen winzigen - und sehr spät gewachsenen - Zweig unter rund 10 Millionen anderen Zweigen besetzen. Wie viele Tiere, Pflanzen, Pilze und Mikroorganismen es tatsächlich gibt, weiss niemand. Täglich werden neue Arten entdeckt, andere sterben aus, und im Laufe der Erdgeschichte sind die weitaus meisten Arten, die jemals existiert haben, wieder verschwunden. Was wir aber wissen ist, dass alle Organismen auf unserem Planeten (ob ausgestorben oder noch lebend) aus einfacheren Vorfahren entstanden sind und dass alle Zweige des Baumes eine gemeinsame Wurzel haben, die ca. 3,5 Milliarden Jahre in die Frühzeit der Erde zurückreicht.

Beim Entlangschlendern am «Baum des Lebens» können Sie sich selbst einen Eindruck dieser evolutiven Entwicklung verschaffen. Sie werden nämlich nicht nur sehenswerte Exponate aus Museen und Instituten, lebende Tiere aus dem Zoo und Pflanzen aus dem Botanischen Garten finden. Informationstafeln, Videoprojektionen, Faltblätter zum Mitnehmen und Auskünfte durch die Betreuungspersonen der verschiedenen Stationen werden Ihnen auch interessante Einblicke in die Grundbegriffe und die Resultate der aktuellen Evolutionsforschung vermitteln. In dieser aktuellen Forschung spielen übrigens viele Forschende der beiden Zürcher Hochschulen international in der „obersten Liga“ mit, weshalb Sie hier alles Wissenswerte aus erster Hand erfahren können.

«Der Baum des Lebens» ist zwar ein Höhepunkt des Zürcher Darwinjahrs 2009 und in seiner Art und Grösse weltweit einmalig; aber es gibt noch eine Reihe weiterer Ereignisse zu den Themen «Evolution» und «Darwin», deren Besuch sich lohnt. Das vollständige Programm finden Sie unter www.darwinyear09.ch. Wir weisen Sie insbesondere auf die Ringvorlesung hin, welche im Herbstsemester auch für das interessierte Laienpublikum zugänglich ist.

Die Ausstellung im Zürcher Hauptbahnhof dürfte weltweit zu einer der umfangreichsten und vielfältigsten gehören. Sie wurde nur möglich durch den unermüdlichen Einsatz vieler Kolleginnen und Kollegen, engagierte Mitarbeit von Partnerinstitutionen und dank grosszügiger finanzieller Unterstützung durch zahlreiche Gönner. Im Namen des Organisationskomitees möchten wir allen Beteiligten an dieser Stelle herzlich danken!

Ihnen wünschen wir nun im Namen beider Hochschulen einen unterhaltsamen und interessanten Gang durch unserer Ausstellung «Der Baum des Lebens: Vielfalt und Einheit».

Das Organisationskomitee des Zürcher Darwin Jahrs 2009:

UZH: Prof. Uli Reyer, Prof. Homayoun Bagheri, Karin Niffeler
ETH: Prof. Paul Schmid-Hempel, Prof. Sebastian Bonhoeffer
Life Science Zürich: Dr. Isabel Klusman, Nadia Mouci Menard

Dear Visitor,

Welcome to the „Tree of Life“ in which we humans, who appeared at a very late stage, represent only one tiny branch among around 10 million other branches. No one knows exactly how many animals, plants, fungi and microorganisms actually exist. New species are being discovered on a daily basis, others become extinct, and, in the course of the Earth's existence, a vast majority of the species that ever existed have disappeared again. What we do know, however, is that all organisms on our planet (whether they are extinct or still living) have developed from simpler ancestors and that all the branches of this tree have a common root that dates back approx. 3.5 billion years to the dawn of life on Earth.

Strolling along the „Tree of Life“, you will get a clear idea of this evolutionary development. Indeed, you will not only find worthwhile exhibits from museums and institutes but also living animals from the Zurich Zoo and plants from the Botanic Garden. Information boards, video projections, leaflets and competent assistants posted at strategic stations will also provide insights into the fundamentals and the results of today's evolutionary research. Many researchers at the University of Zurich and the ETH Zurich play in the “first league” of evolutionary research on an international level, which means you will be receiving first class information.

„The Tree of Life“ is the highlight of the Darwin Year 2009 activities in Zurich and unique both in size and concept, but it is only one in a series of events on “Darwin” and the “Evolution” worth attending. The full programme can be found on our website www.darwinyear.09.ch. We would like to point out in particular the Public Lecture Series (Ringvorlesung) which will be held in German this autumn semester – jointly organized by the University of Zurich and the ETH and open to all interested members of the public.

This exhibition in Zurich's main station is probably among the largest and most varied worldwide and was only made possible thanks to the tireless efforts of many colleagues, the commitment of partner institutions and the generous financial support of numerous donors. We would like to take this opportunity to express our deepest gratitude to all the people involved!

The University of Zurich and ETH Zurich wish you an interesting and entertaining stroll through our exhibition „The Tree of Life: Unity and Diversity“.

Organisation Committee Darwin Year 2009 in Zurich:

UZH: Prof. Uli Reyer, Prof. Homayoun Bagheri, Karin Niffeler

ETH: Prof. Paul Schmid-Hempel, Prof. Sebastian Bonhoeffer

Life Science Zürich: Dr. Isabel Klusman, Nadia Mouci Menard

«Der Baum des Lebens: Vielfalt und Einheit»

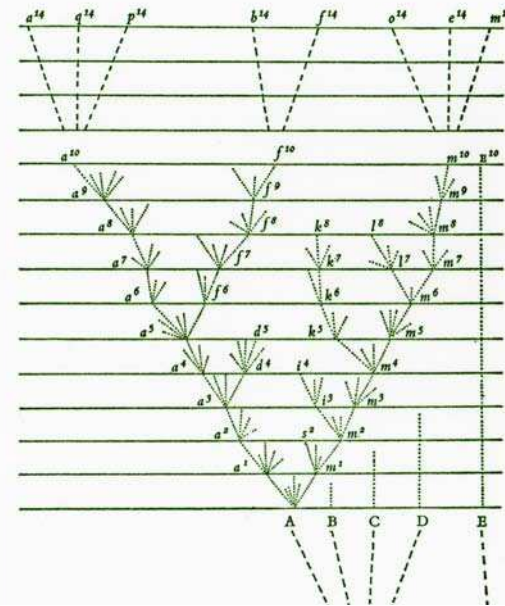
Auf den ersten Blick scheint es eine recht kühne Behauptung zu sein, dass alle Zweige des Stammbaums des Lebens auf eine gemeinsame, ca. 3,5 Milliarden Jahre alte, Wurzel zurück geführt werden können. Wer einmal versucht hat, den eigenen Familienstammbaum zu erstellen, weiss: je weiter man in die Vergangenheit geht, desto lückenhafter werden die Informationen. Nur Wenigen dürfte es gelungen sein, ihre Vorfahren über mehrere hundert Jahre oder gar ein Jahrtausend zurück zu verfolgen. Wenn aber schon wir Menschen mit unserer Fähigkeit zu mündlicher Überlieferung und schriftlichen Aufzeichnungen so schnell an Grenzen stossen, wie können wir dann die Herkunft und Verwandtschaft von Organismen über noch viel längere Zeiträume ermitteln? Woher wollen wir beispielsweise wissen, dass die Vögel und Dinosaurier vor ca. 200 Millionen Jahren aus gemeinsamen Vorfahren hervorgegangen sind? Es war ja niemand von uns anwesend. Wie begründen wir die Aussage, dass der Schimpanse näher mit dem Menschen verwandt ist als mit dem Gorilla? Ist der in der Zürcher Bahnhofshalle nachgestellte Lebensbaum tatsächlich ein Abbild der Wirklichkeit oder stellt er nur eine von vielen Möglichkeiten dar, Evolution zu illustrieren?

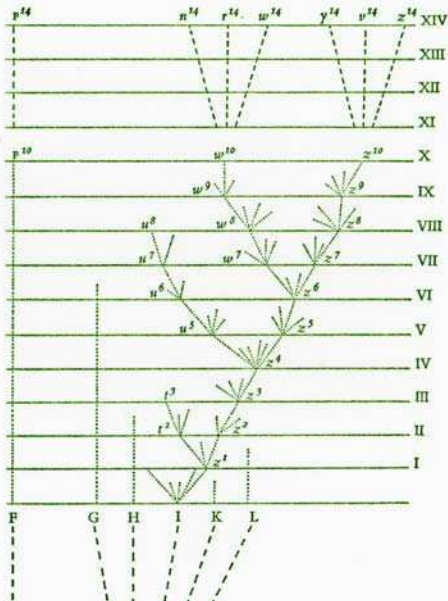
«The Tree of Life: Unity and Diversity»

It does seem very audacious at first glance to maintain that all branches of the tree of life have a common origin. Whoever tried to reconstruct his or her own family tree knows that the further back you go, the more fragmentary the information becomes. Only a lucky few will have succeeded in following their ancestors over several hundred years or even a millennium. If even we humans are quickly confronted with limitations despite our ability to transmit information orally and in writing, how can we determine the origin and relationships of organisms over much longer periods of time? How do we know for example that birds and dinosaurs emerged from a common ancestor approx. 200 million years ago? How do we substantiate the claim that chimpanzees are more closely related to humans than to gorillas? Is the tree of life as it has been reconstructed in the main hall of Zurich's train station a true representation of reality or is it only one of several possibilities to illustrate evolution?

Wie erstellt man einen Baum des Lebens?

Um diese Fragen zu beantworten, müssen wir uns kurz mit den Methoden beschäftigen, die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler benutzen, um Herkunft und Verwandtschaft verschiedener Organismen zu ermitteln. Wie beim Erstellen eines Familienstammbaumes basiert auch die Evolutionsforschung auf „Überlieferungen“ und „Aufzeichnungen“ – allerdings solchen, die die Natur uns in unterschiedlichsten Formen anbietet. Eine der wichtigsten Aufzeichnungen der Geschichte der Lebewesen liefern uns die Gene - ihre Geschichte ist mittels des genetischen Codes aufgezeichnet. Ob Pflanze oder Tier, ob Einzeller oder Mensch - die „Sprache“, in der das Erbgut Anweisungen für Aufbau und Funktionieren von Lebewesen gibt, ist – mit wenigen kleinen Abweichungen – immer dieselbe. Das lässt sich am besten erklären, wenn man annimmt, dass der Code schon sehr früh in der Evolution entstanden ist und danach an alle weiteren Lebewesen weitergegeben wurde, weil er sich bewährt hat. Der Code hat sich also von der Wurzel des Baumes in alle später entstehenden Äste ausgebreitet. Dabei ist der Inhalt der Information laufend und in verschiedenste Richtungen verändert worden; es ist also sozusagen eine Fortsetzungsgeschichte entstanden, die über Jahrmillionen andauerte. Weil wir heute den genetischen Code entziffern können, ist es auch möglich die Geschichte der Lebewesen auf diese Weise zu entschlüsseln.





Darwins Evolutionsdiagramm aus „Entstehung der Arten“ von 1859

Darwin's schema of evolution from „On the origin of species“, 1859

How does one construct a tree of life?

In order to answer all the above questions, we have to look for a short moment into the methods that scientists use to determine the origin and the relationships of different organisms. As is the case when you establish a family tree, evolutionary research bases itself on „written records“ and „notations“, namely those provided by nature in various ways. One of the most important records of the history of living beings is delivered by genes; their history is recorded in the genetic code. Be it a plant or an animal, a unicellular organism or a human being – the “language” in which the genetic material gives a living being instructions how to develop and to function is – with only very few small exceptions – always the same. The easiest way to explain this is to presume that the genetic code developed at a very early stage in evolution and has then been passed on to all other living beings because it proved of value. In other words, the code spread from the root of the tree to all the branches that developed later. During this process the information content was constantly modified in different directions, creating sequels over millions of years. Because today we are in a position to decipher the genetic code, it is also possible to decipher the history of living beings.

Der Stammbaum des Lebens lässt sich aber noch durch weitere natürliche Aufzeichnungen belegen, z.B. in Form von Fossilien. Das sind versteinerte Überreste von Organismen und manchmal auch von ihren Aktivitäten (z.B. Saurier-Fussspuren, die etwa im Bündnerland oder im Jura zu finden sind). Viele dieser Fossilien vereinigen Merkmale von verschiedenen, heute klar getrennten Gruppen. Damit geben sie sich als frühe Stadien einer Aufspaltung zu erkennen. Ein berühmtes Beispiel ist das Skelett des ausgestorbenen Urvogels *Archaeopteryx*: Zähne und eine lange Schwanzwirbelsäule sind typisch für Reptilien; Federkleid und Bau des Fusses lassen ihn den Vögeln ähneln.

Kritiker des Evolutionsgedankens verweisen oft darauf, dass Funde von fossilen Zwischenstufen viel zu selten sind, um Herkunft und Verwandtschaft der verschiedenen Organismengruppen zu beweisen. Sie ignorieren dabei, dass es nicht nur eine seltene Kombination von günstigen Bedingungen braucht, damit Fossilien überhaupt entstehen, sondern später auch viel Arbeit und glückliche Umstände erforderlich sind, um sie zu finden. Wenn Organismen etwa keine Gehäuse, Knochen, Zähne oder andere harte Teile haben, wenn sie nach ihrem Tod dem Sauerstoff ausgesetzt sind und damit von Fäulnisbakterien zersetzt werden, oder wenn sie durch Veränderungen in der Schicht, in der sie liegen, mechanisch zerstört werden, dann ist die Wahrscheinlichkeit extrem gering, dass wir sie als Fossilien finden. Dennoch werden laufend wichtige Funde gemacht. Als Darwin seine Werke zur Evolutionstheorie vor 150 Jahren veröffentlichte, kannte man weder Fossilien, die den Übergang von wasserlebenden Fischen zu landlebenden Amphibien belegen, noch solche, die auf eine gemeinsame Wurzel von heutigen Menschen und anderen Primaten hinweisen. Heute gibt es Fossilien welche diese und viele andere Übergangsformen darlegen, und ihre Zahl nimmt ständig zu.



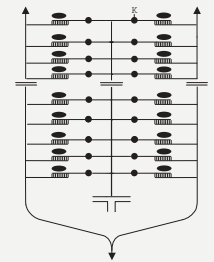


Urvogel Archaeopteryx - Ancestral bird Archeopteryx

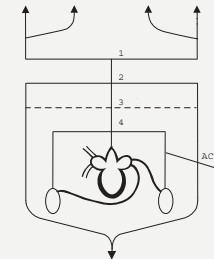
The phylogenetic tree of life can, however, also be documented by other natural records such as fossils. These are petrified remains of organisms and sometimes also of their activities (e.g. foot prints of Saurians found in the Grisons or the Jura). Many of these fossils present characteristics of diverse, today clearly separate groups and, hence, reveal themselves as early stages of a division. A famous example is the skeleton of the extinct ancestral bird Archaeopteryx: the teeth and the long bony tail are typical of reptiles, whereas the feathers and the foot shape resemble that of birds.

Critics of evolutionary arguments often point out that findings of fossil intermediate stages are far too scarce to prove the origin and relationships of the different groups of organisms. In so doing, they ignore the fact that it takes a rare combination of favourable factors for fossils to form in the first place and a lot of work and fortunate circumstances for them to be found later. When organisms do not have a shell, bones, teeth or other hard parts, when they are exposed to oxygen after death and thereby decomposed by bacteria, or when they are destroyed mechanically by changes in the layer in which they lie, then the probability of us finding fossils is extremely small. Nonetheless, findings are made constantly. When Darwin published his theory of evolution 150 years ago, men knew neither fossils that proved the transition from water-living fishes to land-living amphibians, nor ones that indicated a common origin of today's humans and other primates. Today, there is fossil evidence of these and many other transitions, and the number of discoveries increases steadily.

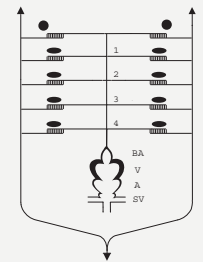
Fossilien und genetische Information sind zudem nicht die einzige Möglichkeit, um Herkunft und Verwandtschaft von Lebewesen zu erkennen. Eine weitere wichtige und schon lange benutzte Methode, Stammbäume zu erstellen, besteht darin, Merkmale von heute lebenden Arten, Familien, Ordnungen oder anderen taxonomischen Gruppen auf Ähnlichkeiten und Unterschiede zu untersuchen. Für den Vergleich können die verschiedensten Merkmale herangezogen werden, z.B. Körperstrukturen, physiologische Vorgänge, Verhaltensweisen, Abläufe während der Embryonalentwicklung oder eben die DNA-Sequenzen, d.h. die genetische Information. Das Vorgehen ist dabei aber immer gleich.



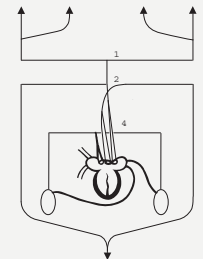
AMPHIOXUS



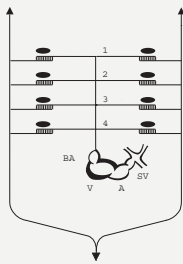
AMPHIBIEN ADULT



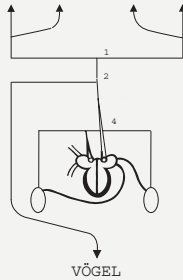
HAI



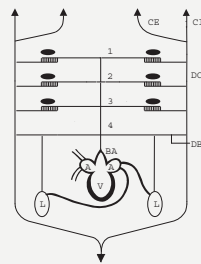
REPTILIEN



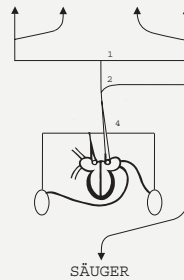
KNOCHENFISCH



VÖGEL



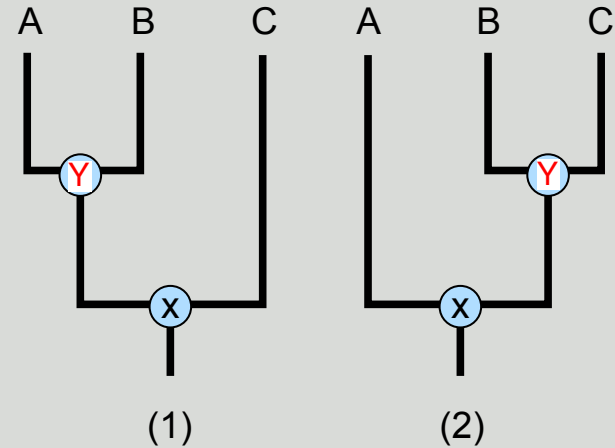
AMPHIBIENLARVE

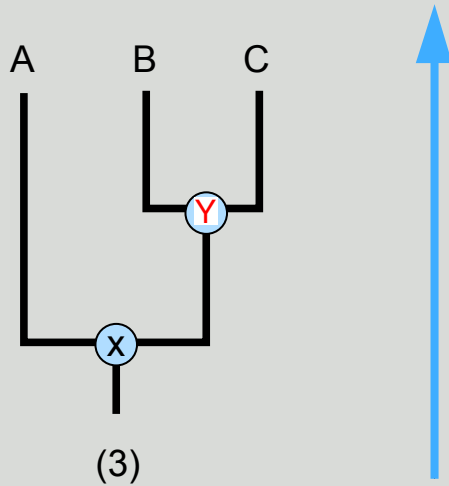


SÄUGER

Fossils and genetic information are not the only possibilities to determine origin and relationships. Another important method to reconstruct family trees, which has been used for a long time already, consists of comparing characteristics of species, families, orders and other taxons living today to determine similarities and differences. For such comparisons we can use a wide variety of characteristics, e.g. body plans, physiological processes, behaviour patterns, embryonic development processes or DNA sequences, i.e. genetic information. The procedure is always the same.

Um dies zu illustrieren, nehmen wir einmal an, wir möchten die stammesgeschichtliche Verwandtschaft zwischen drei heute lebenden Arten A, B und C erforschen. Im Prinzip gibt es drei Möglichkeiten, wie diese drei Arten im Laufe der Evolution entstanden sein könnten; sie sind in der Abbildung 1 unten schematisch dargestellt: (1) ausgehend von einem gemeinsamen Vorfahren X (der ausgestorben ist), haben sich zwei Äste entwickelt: der eine führte direkt zur Art C, der andere zu einer Form Y (heute ebenfalls ausgestorben), aus der sich zu einem späteren Zeitpunkt der Evolution die heutigen Arten A und B entwickelt haben. (2) Die erste Aufspaltung bei X resultierte in Ästen zu A und Y; aus der späteren Trennung bei Y entstanden B und C. (3) Zuerst trennten sich die B- und Y-Äste, danach die A- und C-Äste. Es macht nun Sinn Folgendes zu erwarten: Falls Schema (1) stattgefunden hat, dann sollte der Unterschied zwischen den Arten A und B geringer sein als der von A zu C und von B zu C – einfach deshalb, weil A und B über ihren gemeinsamen Vorfahren Y in der Evolution einen längeren gemeinsamen Weg zurück gelegt haben als mit C. Oder anders ausgedrückt: der Unterschied zwischen A und B sollte weniger Änderungen im Laufe der Evolution beinhalten als es Änderungen zwischen beiden Arten als Gruppe und der Art C gibt. Entsprechend erwarten wir für Schema (2), dass B und C sich voneinander weniger unterschieden als von A; und in (3) erwarten wir die geringsten Unterschiede (und damit die grösste Verwandtschaft) zwischen A und C. Dieses Argument ist auch als Prinzip der Sparsamkeit bekannt und geht übrigens auf den Philosophen und Theologen, William of Ockham (1285-1349) zurück.





Verschiedene Möglichkeiten der Verwandtschaft zwischen den drei heute lebenden Arten A, B und C sowie ihrer Abstammung aus den ausgestorbenen Formen X und Y. Der Pfeil gibt die Richtung des Zeitablaufs an.

There are several possibilities regarding the relationships between the three species A, B and C living today as well as their origin from the extinct species X and Y. The arrow shows the direction of the time flow.

To illustrate this, let us assume we want to determine the phylogenetic relationship between the three living species A, B and C. In principle, there are three possibilities how these three species may have arisen in the course of evolution; they are depicted in the graph in Figure 1: (1) two branches have developed from a common ancestor X (that is extinct today); one of them led directly to species C, the other one to a species Y (also extinct today) which later evolved into the extant species A and B; (2) the first splitting at X resulted in branches leading to A and Y; B and C then emerged from a later separation at Y; (3) first, branches B and Y separated, then branches A and C. It makes sense, therefore, to expect the following: if case (1) has occurred, then the difference between A and B should be smaller than between A and C and B and C – this simply because A and B have covered a longer evolutionary route together due to their common ancestor Y. Or, in other words, in the course of evolution A and B should have accumulated fewer differences between them than there are differences between the two species as a group and species C. Similarly, we expect with pattern (2) that B and C differ less between each other than from A; and with (3) we expect the least variations (and, consequently, the closest relationship) between A and C. This argument is also known as the “Principle of parsimony”; it can be traced back to the philosopher and theologian, William of Ockham (1285-1349).

In der Praxis ist die Anwendung der Methode nicht ganz so einfach, wie hier dargestellt. Eine Schwierigkeit besteht darin, die verlässlichen Merkmale für den Vergleich von Ähnlichkeit und Unterschieden zu finden. Die Tatsache, dass z.B. sowohl Insekten als auch Vögel Flügel haben, ist keineswegs ein Hinweis für eine enge Verwandtschaft zwischen beiden Gruppen. Ebenso wenig belegt das Vorhandensein von paddelförmigen Extremitäten bei Meeresschildkröten, Pinguinen und Robben deren enge Verwandtschaft. In beiden Beispielen betreffen die Ähnlichkeiten nämlich konvergente Merkmale. Sie sind unabhängig voneinander als Anpassungen an die Anforderungen ähnlicher Lebensräume entstanden, nämlich an die Fortbewegung in der Luft (Flügel) und im Wasser (Paddel). Relevant für die Feststellung von Ähnlichkeiten und Unterschieden sind deshalb nur homologe Merkmale. Das sind Strukturen, Verhaltensweisen und Prozesse, die sich aufgrund ihrer gemeinsamen Abstammung ähneln. Es gibt glücklicherweise eine ganze Reihe von Methoden, konvergente von homologen Merkmalen zu unterscheiden. Homologien liegen zum Beispiel dann vor, wenn die verglichenen Merkmale im Gesamtgefüge des Körperbaus die gleiche Position einnehmen (Kriterium der Lage, wie etwa die genaue Lage der Schädelknochen), wenn es Übergänge zwischen verschiedenen Formen gibt (Kriterium der Kontinuität, zu sehen bei der Umwandlung einiger Kieferknochen in der Evolution der Säugetiere) und wenn Teile des gesamten Merkmals sehr charakteristisch sind (Kriterium der spezifischen Qualität). Nach diesen Kriterien sind z.B. die Extremitäten (Vorder- bzw. Hinterbeine) aller Wirbeltiere homolog (verweisen also auf Verwandtschaft), obwohl die Flosse eines Fisches, der Flügel eines Vogels, die Grabschaukel eines Maulwurfs und das Bein eines Pferdes auf den ersten Blick völlig verschieden aussehen. Sie sind jedoch alle an der gleichen Stelle des Körpers ausgebildet, haben die gleiche innere Gliederung der einzelnen Knochen usw.





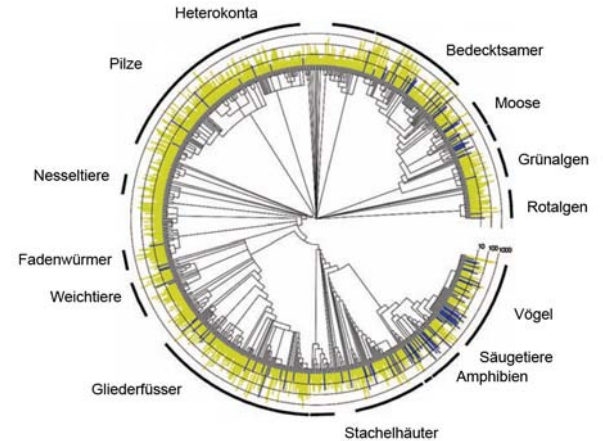
Flügel, Foto: BS - Wing, picture: BS

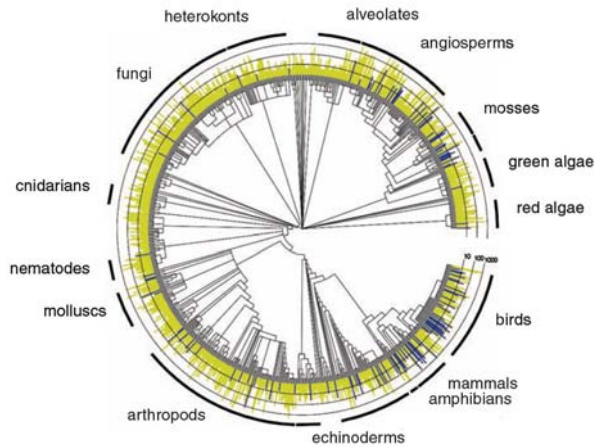
Applying this method in practice is not quite as easy as depicted here. One difficulty lies in finding reliable characteristics to compare similarities and differences. The fact, for example, that both insects and birds have wings is by no means a sign of a close relationship between the two groups. Likewise, the existence of paddle-like extremities in sea turtles, penguins and seals is not a proof of their close relationship. In both cited examples, the similarities are due to convergent evolution leading to analogous traits. These traits have developed independently from each other as adaptations to the requirements of similar habitats, namely locomotion in the air (wings) and in water (paddles). To determine evolutionary relationships, only homologous traits are relevant. These can be structures, behaviour patterns and processes which are similar due to common descent. Fortunately, there is a whole range of methods to distinguish homologous from analogous traits. Homologies exist, for example, when the compared characteristics show correspondence in position in the body plan (e.g. the exact same position of the various cranial bones), when there are transitions between the different forms (continuity criterion, e.g. the transformation of some bones during the early evolution of mammals) or when parts of the traits share special characteristics (correspondence in quality). According to these criteria, the extremities (front- and hind legs) of all vertebrates are homologous (i.e. indicate relatedness), although the fin of a fish, the wing of a bird, the shovel of a mole and the leg of a horse look completely different at first sight. They are, however, located in the same position relative to the rest of the body, have the same internal arrangement of various bones etc.

Eine weitere Schwierigkeit beim Erstellen eines Stammbaumes entsteht, wenn verschiedene Merkmale zu unterschiedlichen Schlussfolgerungen führen. So stellen z.B. manche genetische Vergleiche die Wale in die verwandtschaftliche Nähe der Flusspferde, bestimmte Knochenmerkmale unterscheiden sie aber deutlich von Flusspferden (und allen anderen Paarhufern). Gültige stammesgeschichtliche Zusammenhänge werden aber immer auf der Basis von nicht einem einzigen, sondern zahlreichen Merkmalen analysiert. Deshalb kann man bei solchen widersprüchlichen Informationen aus verschiedenen möglichen Bäumen meistens dennoch den wahrscheinlichsten ermitteln. Wenn in dem oben abgebildeten Beispiel die Arten A und B sich z.B. in 10 Merkmalen unterscheiden, die Arten A und C aber in 50 und B und C in 55, dann ist Baum (1) der wahrscheinlichste. Das ganze Verfahren ist enorm aufwendig, was man schon rein rechnerisch sehen kann. Je mehr Arten man für den Vergleich heranzieht, desto rascher steigt die Zahl der möglichen Baumstrukturen: bei 6 Arten gibt es 105 mögliche Stammbäume, bei 8 Arten bereits über 10'000. Nur einer davon ist derjenige, der tatsächlich in der Natur vorliegt. Dank leistungsfähiger Computer und ausgeklügelter Analyseprogramme lässt sich heute aber auch in solchen (und noch viel komplizierteren) Fällen ein wahrscheinlicher Stammbaum rekonstruieren.

Another difficulty in establishing a phylogenetic tree arises from the fact that different characteristics can lead to different conclusions. For instance, some genetic comparisons show a close relationship between whales and hippopotamuses, whereas some bone characteristics differentiate whales clearly from hippopotamuses, as well as all other even-toed ungulates (Artiodactyla). Valid phylogenetic correlations are, therefore, always based on the analysis of several characteristics and not only one. This way, even with contradicting information, it is still possible to determine the most probable of several possible trees. If in the example above, species A and B display differences in 10 characteristics, but species A and C differ in 50 and B and C in 55, then tree (1) is the most probable one. The whole process is extremely laborious, which becomes already obvious from a mathematical point of view. The more species are included in the comparison, the quicker the number of possible tree structures rises: with 6 species there are 105 possible phylogenetic trees, with 8 there are already over 10,000, but only one exists in nature. Thanks to powerful and sophisticated analysis software it is possible today to reconstruct phylogenies in such cases (and even much more complicated ones).

Weil durch die Forschung laufend neue Information dazukommt, müssen Stammbäume aber ab und zu umgeschrieben werden. Dabei kann es sogar vorkommen, dass eine ganze Gruppe von Arten einer völlig anderen Domäne zugeordnet werden muss. So sind beispielsweise die Archaea (welchen Sie in der Ausstellung begegnen werden) heute keine Bakterien mehr, sondern eine eigene Gruppe von Organismen. Ein anderes Beispiel sind die Mikrosporidien (wichtige Krankheitserreger), die stets als Tiere angesehen wurden, nach neuester Information aber sehr spezialisierte Pilze sind! Die Tatsache, dass man die Zuordnungen ab und zu ändern muss bedeutet jedoch nicht, dass die Evolution nicht stattgefunden hat; sie bedeutet lediglich, dass unser Wissen über den tatsächlichen Ablauf und unsere Hypothesen zunehmend verbessert werden. Stammbäume werden nicht immer, wie hier im Zürcher Hauptbahnhof (und wie zuerst von Darwin skizziert), in Form von Bäumen dargestellt, sondern manchmal auch in der Form der untenstehenden Abbildung. Aber alle Darstellungsformen liefern immer die gleiche Aussage, nämlich eine zunehmende Aufspaltung in Gruppen, ausgehend von einem gemeinsamen Ursprung.





Der Stammbaum aller Eukaryoten, dargestellt als Rad
The genealogic tree of all Eukaryotes presented as a wheel

Because research constantly brings to light new information, phylogenetic trees have to be rewritten occasionally. Sometimes even a whole group of species has to be moved to a completely different order. This happened for example with the Archaea (that you will encounter in this exhibition) which are no longer classified as bacteria but as a separate group of organisms. Another example comes from the Microsporidia which are important pathogenic germs: they were always considered as animals but according to the latest information they are now classified as very specialized fungi! The fact that classifications have to be changed from time to time does not mean, however, that evolution has not taken place; it only means that our knowledge and our hypotheses become more refined. Phylogenies are not always depicted as trees such as the one presented in Zurich's main station but sometimes in the shape illustrated in Figure 2. Nevertheless, their message remains the same, namely an increasing splitting into groups, departing from one common origin.

Wie ermittelt man den Zeitraum der Aufspaltungen?

Das bisher beschriebene Vorgehen erlaubt nur eine „relative Datierung“ der Evolutionsvorgänge. Das heisst, wir können aufgrund von Fossilien und Merkmalsvergleichen zwar sagen, dass die Äste A und B sich früher von C abgespalten haben als voneinander; aber wir wissen nicht, wann die Aufspaltungen erfolgt sind. Für eine solche „absolute Datierung“ benötigen wir „Kalender“ und „Uhren“. Auch die liefert uns die Natur – wenn auch in anderer Form als wir sie aus dem täglichen Leben kennen.

Zahlreiche Methoden der Datierung beruhen auf dem Zerfall natürlicher radioaktiver Elemente. Kohlenstoff C14 etwa hat eine Halbwertszeit von 5'730 Jahren; d.h. nach dieser Zeit ist nur noch die Hälfte der ursprünglich vorhandenen C14-Atome vorhanden, nach weiteren 5'730 Jahren bleibt nur noch ein Viertel usw. Andere Formen (Isotope) des Kohlenstoffs bzw. anderer Elemente zerfallen mit anderer Geschwindigkeit. Misst man bei einem Fossilfund den vorhandenen Anteil von C14 im Vergleich zu bekannten Basisniveaus und zu anderen Isotopen, so kann man daraus berechnen, welcher Anteil an C14 seit dem Tod des Lebewesens zerfallen sein muss. Damit kann man dann auf das Alter des Fossils schliessen. Verschiedene Kombinationen von Elementen und ihrer Isotope können benutzt werden, um „Uhren“ für verschiedene Zeiträume zu erhalten. Die C14-Methode ist zum Beispiel geeignet für Zeiträume bis zu einigen Tausenden von Jahren. Am anderen Extrem deckt die Uhr welche mit Uran / Blei-Isotopen arbeitet einen Zeitraum von Jahrmilliarden ab (und erlaubt so die Schätzung des Alters der Erde auf 4,54 Milliarden Jahre, mit einer Genauigkeit von $\pm 1\%$).





Kohlenstoff, Foto: BS - Carbon, picture: BS

How does one determine the timing of the splits?

The processes described so far only permit a “relative dating” of evolutionary processes. This means that fossils and comparisons of characteristics can tell us that branches A and B split earlier from C than from each other, but we do not know when these separations occurred. For such an “absolute dating” we need “calendars” and “clocks”. Nature also provides those but other types than those we are used to in daily life.

Several methods are based on the decay of natural radioactive elements. Carbon C14, for example, has a half-life of 5,730 years; i.e. after that time only half the original number of C14 atoms remains and after another 5,730 years only a quarter, etc. Other forms (isotopes) of carbon or other elements decay at a different speed. If we measure the existing levels of C14 in a fossil and compare it to known original levels and to other isotopes, we can calculate what proportion must have decayed since the death of the organism. This allows us to estimate the age of the fossil. Several combinations of elements and their isotopes can be used as “clocks” for different periods of time. The C14 method, for example, is suited for periods up to several thousands of years. At the other end of the scale, the “clock” working with uranium/lead isotopes covers a period of billions of years (and allows estimating the age of the Earth at 4.54 billions of years, with an accuracy of $\pm 1\%$).

Weitere Möglichkeiten der Datierung liefern geologische Ereignisse, z.B. die Geschwindigkeit von Kontinentalverschiebungen, Gebirgsauffaltungen, Sedimentbildung, Erosion und Verwitterung. Aber auch bekannte Zeiträume, in denen Vulkane ausgebrochen sind, Inseln vom Festland getrennt oder Landbrücken gebildet wurden, liefern Information. Wenn Fossilien in Schichten gefunden werden, die auf solche zeitlich bekannten geologischen Ereignisse zurückgehen, können wir auch die Fossilien selbst dem entsprechenden Zeitraum zuordnen. Und wenn ähnliche Arten in Regionen leben, die vor bekannter Zeit getrennt wurden, kann man daraus schließen, seit wann sie getrennte Evolutionswege gegangen sind. Ein Beispiel liefert die Landbrücke zwischen Nord- und Südamerika. Sie trennte vor ca. 3 Millionen Jahren den vorher durchgehenden Ozean in Atlantik und Pazifik. Bei Krebsen und anderen wenig mobilen Meeresorganismen unterbrach das den genetischen Austausch zwischen Populationen östlich und westlich der Landbrücke, so dass sie sich mehr und mehr auseinander entwickelten. Man kann daher die Aufspaltung mancher Arten auf den Zeitpunkt der Landbrücke datieren. Als letzte wichtige Datierungsmethode sei noch die molekulare Uhr genannt. Sie beruht auf der Tatsache, dass zufällige Änderungen im genetischen Code, sogenannte Mutationen, zu Veränderungen in der genetischen Struktur führen. Die Mutationsrate ist bekannt und in etwa konstant. Deshalb kann man aus der Anzahl der akkumulierten Unterschiede zwischen zwei Gruppen direkt das Alter ihrer Aufspaltung berechnen.

Jede einzelne Methode der Altersbestimmung ist mit mehr oder weniger grossen Ungenauigkeiten behaftet und nicht uneingeschränkt anwendbar. Datierungen über radioaktiven Zerfall und geologische Ereignisse reichen weit in die Vergangenheit, sind aber manchmal mit grösseren Schätzfehlern behaftet. Die Mutationsraten als Basis der molekularen Uhr variieren mit der Populationsgrösse, der Generationszeit, dem Selektionsdruck auf den analysierten Genabschnitt und anderen Faktoren. Dennoch ist die Genauigkeit der Schätzungen oft sehr hoch, da man verschiedene Verfahren kombinieren kann. Beispielsweise kann man eine fossile Übergangsform mit einer radioaktiven Methode datieren und zusätzlich mit Hilfe der molekularen Uhr (also dem DNA-Vergleich) errechnen, wann die gemeinsamen Vorfahren gelebt haben müssen. Wenn wir dann zu ähnlichen Ergebnissen kommen, können wir ziemlich sicher sein, dass unsere Altersbestimmung korrekt ist. Denn selbst wenn jede Methode für sich mit einem hohen Schätzfehler behaftet wäre (z.B. 30%), ist die Wahrscheinlichkeit, dass beide Methoden zum selben (falschen) Ergebnis kommen nur 9%; bei Verwendung einer dritten Informationsquelle mit derselben Fehlerrate (z.B. geologische Ereignisse) würde diese Wahrscheinlichkeit auf knapp 3% sinken. Wie bei der Analyse des wahrscheinlichsten Stammbaums gilt also auch bei der Datierung: mögliche Fehler in jedem Einzelschritt werden durch eine Kombination von Merkmalen und Methoden stark verringert.

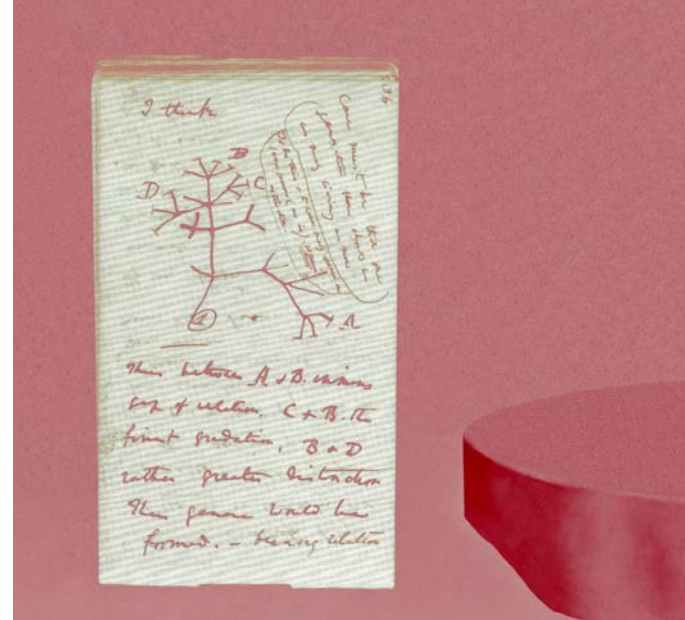
Further methods of dating are provided by geological events such as the speed of continental drift, of upfolding processes in mountains, of sediment deposition, erosion and weathering. Known periods of time when volcanoes erupted, islands were separated from the main land or land bridges were created, also provide age information. When fossils are found in a layer that can be traced back to a known and dated geological event, we can assign the fossils to that particular period of time. Also, if similar species live in regions that have been separated a known time ago, we can conclude since when they have followed separate evolutionary routes. One example comes from the land bridge between North and South America. Approximately 3 million years ago, it separated the previously continuous sea into the Atlantic Ocean and the Pacific Ocean. For crustaceans and other little mobile marine organisms, this interrupted the genetic exchange between the two seas, so that the populations east and west of the land bridge diverged more and more. We can, therefore, date the emergence of some new species to the appearance of the land bridge. Finally, the last important dating method we ought to mention is the molecular clock. It is based on the fact that accidental changes in the genetic code, called mutations, modify the genetic structure. The mutation rate is known and remains more or less constant. Thus, we can calculate the age of the split between two groups directly from the number of accumulated differences.

Each individual dating method comes with more or less inaccuracies and cannot be applied without restrictions. Radioactive dating and dating based on geological events reach back far into the past, but are sometimes flawed with substantial estimation errors. Mutation rates, the bases of the molecular clock, vary with the size of populations, the generation length, the selective pressure on the analysed gene sequence and other factors. Nevertheless, the accuracy of estimates is often very high because we can combine several methods. It is possible, for example, to date a fossil link between two groups with a radioactive method and in addition use the molecular clock (i.e. a DNA comparison) to calculate when the common ancestors must have lived. If the results we obtain are similar, we can be fairly sure that our dating is correct. For, even if each method on its own was tainted with a high estimation error rate (e.g. 30%), the probability that both methods come to the same (false) result is only 9 %; if you use a third source of information with the same error rate (e.g. geological events) the probability of an error is reduced to a mere 3 %. As in the analysis of the most probable phylogenetic tree, it is essential to reduce possible errors at each individual step in the dating process by combining characteristics and methods.

Warum kommt es zu Verzweigungen?

Diese kurze Einführung in die Methodik konnte Sie hoffentlich überzeugen, dass der hier ausgestellte Baum (der übrigens die gewaltige Arbeit von Tausenden von Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern zusammenfasst) den tatsächlichen Evolutionsschritten gerecht wird. Aber - werden Sie vielleicht fragen - wenn alles Leben auf die gleiche Wurzel zurückgeht und Organismen sich durch Einheit in vielen Merkmalen auszeichnen, wie ist es dann zu dieser enormen Vielfalt an Arten gekommen? Warum ist aus der Wurzel nicht ein einziger grosser unverzweigter Stamm erwachsen?

Diese Frage nach der Entstehung der Artenvielfalt hat die Menschen schon immer interessiert – nicht zuletzt, weil sie auch unsere eigene Abstammung betrifft. Es gab über die Jahrhunderte eine Fülle von Erklärungsversuchen. Allen kritischen Überprüfungen stand gehalten hat aber nur eine einzige: die Evolutionstheorie, die Charles Darwin 1859 in seinem Buch „Über die Entstehung der Arten“ formuliert hat. Im Jahr 2009 wird weltweit der 150. Jahrestag der Evolutionstheorie gefeiert und der 200. Geburtstag seines Verfassers (*12.2.1809). Auch diese Ausstellung verdankt ihre Entstehung diesem Doppeljubiläum.





Charles Darwin & Darwins Diagramm von 1837

Charles Darwin & Darwin's schema of 1837

Why does the branching occur?

This short introduction into the methods will hopefully have convinced you that the tree presented here (which by the way summarises the enormous work of thousand of scientists) is a fair representation of the actual steps in evolution. But, you may ask yourself, if all life goes back to the same root and all organisms display unity in several of their characteristics, how did such an enormous diversity of species originate? Why did the root not develop into only one large unbranched stem?

The origin of this diversity of species is a question that has interested humans at all times – if nothing else because it concerns our own descent. Over the centuries, there have been numerous attempts at an explanation. Only one, however, held out against all critical examinations: the theory of evolution that Charles Darwin formulated in 1859 in his book „On the Origins of Species“. In 2009, the 150th anniversary of the theory of evolution and the 200th anniversary of its author (*12.2.1809) are commemorated worldwide. This exhibition, too, was designed to celebrate this double anniversary.

Darwins Theorie besteht aus mehreren logisch verknüpften Argumentationsschritten:

- 1) Die Individuen derselben Art, die in einer Population leben, unterscheiden sich in zahlreichen Merkmalen, z.B. in Körpergrösse, Gesundheit, aber auch in ihren Verhaltensweisen (Prinzip der Variation).
- 2) Ein Teil der Unterschiede zwischen Individuen ist erblich, wird also von Eltern an ihre Nachkommen weitergegeben (Erblichkeit).
- 3) Es werden mehr Nachkommen produziert, als die begrenzten Ressourcen (z.B. die Nahrung) in einem Gebiet tragen können; dadurch entsteht Konkurrenz.
- 4) Die Varianten, die für die Konkurrenz um Ressourcen am geeignetsten sind, werden besser überleben und mehr Nachkommen hinterlassen als solche, die weniger geeignet sind (natürliche Selektion). Dadurch haben auch die Gesamtheit der Nachkommen eher wieder geeignete Merkmale.
- 5) Auf längere Sicht werden sich daher die erfolgreichen Linien und ihre Merkmale durchsetzen. Im Verlaufe der Evolution erfolgt eine Anpassung an die spezifischen Umweltbedingungen (Adaptation).
- 6) Gelegentlich sind die Umwelten an verschiedenen Orten verschieden. Die Ausgangsform wird sich in verschiedenen Umwelten deshalb in verschiedene Richtungen entwickeln. Es kann dabei zu einer endgültigen Aufspaltung kommen - neue Arten sind entstanden (adaptive Radiation).

Genauso wie zu Darwins Zeit noch viele Fossilien fehlten, um die Herkunft verschiedener Gruppen aus gemeinsamen Vorfahren zu belegen, so waren damals auch manche Details des vorgeschlagenen Evolutionsprozesses noch unbekannt. Darwin wusste zwar, dass Eigenschaften vererbt werden, und dass die Nachkommen aus einer Kreuzung sich unterscheiden (Punkt 2 seiner Argumentationskette); er kannte aber weder den Mechanismus der Vererbung noch die Ursachen für die Variation. Auch andere Phänomene konnte er nicht erklären, etwa wie durch zufällige kleine Veränderungen (die wir heute als Mutationen kennen) neue zum Teil sehr komplexe Merkmale entstehen können (z.B. ein funktionstüchtiges Auge) oder wieso es soziales Verhalten gibt (z.B. in Insektenstaaten), wo doch Konkurrenz ein Schlüsselfaktor in seiner Theorie ist (Punkt 3). Aber so, wie im Laufe der Zeit mehr und mehr Fossilien die Wissenslücken über die Struktur des Stammbaumes füllten, so hat die spätere Forschung auch mehr und mehr die Evolutions-Mechanismen entschlüsselt. Diesen Fortschritt verdanken wir nicht zuletzt der modernen Genetik und Entwicklungsbiologie. Sie führten und führen zu faszinierenden Erkenntnissen, die das von Darwin formulierte Grundkonzept der Evolutionstheorie immer wieder aufs Neue bestätigt haben.

Prof. Dr. Uli Reyer (Universität Zürich)

Prof. Dr. Paul Schmid-Hempel (ETH Zürich)

Mitglieder des Organisationskomitees

Darwin's theory consists of several logically associated argumentation steps:

- 1) In every population, conspecific individuals differ from each other in numerous characteristics, e.g. in size, health, but also with regard to their behaviour (principle of variation);
- 2) Part of these differences between individuals is heritable, i.e. passed on from parents to their siblings (heredity);
- 3) More offspring are produced than the limited resources in a region (e.g. food) can bear, which leads to competition;
- 4) The variants that cope best with the competition for resources will survive better and leave more offspring than those that do less well (natural selection). This way, the offspring at large end up having more adequate characteristics.
- 5) In the long run, only the successful lines and their characteristics will establish themselves. In the course of evolution, adaptation to the particular environmental conditions will occur.
- 6) Occasionally, ecological conditions differ between localities. Hence, the same original form will develop in diverse directions in different environments. This can lead to a definite split and the creation of species (adaptive radiation).

Just as a lot of fossils were still missing in order to document that different groups descended from common ancestors, some details regarding the suggested evolutionary processes were also unknown in Darwin's era. Although Darwin knew that traits are inherited and that the descendants from a crossing differ (point 2 in his line of arguments), he did not know the mechanism of inheritance nor the causes for the variation. There were also other phenomena that he could not explain, for example how small accidental changes (today known as mutations) can lead to new sometimes very complex characteristics (e.g. a functional eye) or why there is a social behaviour (e.g. in insect societies), although competition is a key factor in his argumentation (point 3). Since Darwin developed his theory, not only more and more fossils filled the gaps regarding the structure of the phylogenetic tree; scientific research has also increasingly deciphered the mechanisms leading to evolution. This progress we owe to a large extent to modern genetics and developmental biology. They have led to fascinating insights that have confirmed the basic concepts of Darwin's evolutionary theory over and over again.

Prof. Uli Reyer (University of Zurich)

Prof. Paul Schmid-Hempel (ETH Zurich)

Members of the Organisation Committee